



TITLE:

9 イルカとチンパンジーにおける 遅延自己映像認知

AUTHOR(S):

陳, 香純

CITATION:

陳, 香純. 9 イルカとチンパンジーにおける遅延自己映像認知. 霊長類研究所年報 2010, 40: 148-148

ISSUE DATE:

2010-09-21

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/166745>

RIGHT:

またゴリラでも性格評定を行い、チンパンジーとの種間比較の予備的解析を行った結果、「誠実性」などの性格特性に有意差がみられた。不安の感じやすさや好奇心などの性格に関与するモノアミノキシダーゼやドーパミントランスポーターの遺伝子型が、ゴリラとチンパンジーで大きく異なっており、性格特性との関連性を解析中である。

また、アンドロゲン受容体など他の候補遺伝子に関しても、マーモセット、キツネザルなどの多数個体の型判定を行い、種ごとの遺伝子頻度を解析した。

9 イルカとチンパンジーにおける遅延自己映像認知

陳香純（関西学院大・院・文）

対応者：友永雅己

イルカおよびチンパンジーに、実況および2秒遅延ビデオ映像を個体別に提示し、その際の行動を観察記録し分析を行うことを目的とした。2009年度は、名古屋港水族館のご協力の下、バンドウイルカ (*Tursiops truncatus*) を対象に実験を行ったため、中間報告となる。雄4頭、雌3頭のバンドウイルカ計7頭に映像を提示し観察を行った。スクリーン前で停留する、口を開けるといった行動が観察された。続いて、映像に対してより注意を向けていた雄1頭、雌1頭を対象に「マークテスト」を実施した。マーク場所は左目上後方と噴気孔より後部の2カ所であった。その結果、雌のイルカが実況ビデオ映像時にはマークをスクリーンに映しだすかのような行動が観察されたが、2秒遅延ビデオ映像時にはマークを映し出すかのような行動は観察されず、実況ビデオ映像時に比べて身体を激しく動かすような行動が観察された。この実験結果のみでは自己認知を示唆することができなかったが、2種類の映像に対して異なった行動が示された。イルカは映し出される映像の違いを理解していたのではないかと考えられる。今後、チンパンジーに対しても映像提示を実施し、イルカとの行動を比較していく予定である。

10 解剖学的筋骨格モデルと無拘束カメラ画像を用いたチンパンジーの運動計測

荻原直道（慶應義塾大・理工・機械工学）

対応者：友永雅己

ヒトと最も近縁なチンパンジーの自然な運動を、自然環境下で計測し定量化することは、ヒトの直立二足歩行や情動表出の進化を明らかにする上で極めて重要である。そのためカメラを用いた運動計測が行われているが、カメラによる運動計測では、運動空間座標とカメラ

座標の写像関係が既知である必要があるため、カメラ位置を固定しなければならないという大きな制約が存在した。しかし、計測対象であるチンパンジー筋骨格系の精密な数理モデルを構築し、その解剖学的制約に基づいて運動の画像にモデルをマッチングしてやれば、無拘束カメラで撮影した自然環境下における運動画像からでもその3次元的身体運動を再構築できると予想される。そこで本研究では、チンパンジーの解剖学的筋骨格モデルを用いて、無拘束カメラ画像からその3次元身体運動を計測する手法を開発することを目的とした。

まず、チンパンジー成体個体のCTスキャン画像からその3次元骨格モデルの構築を行った。具体的には、チンパンジーの全身骨格を、体幹部4節、前肢5節（肩甲骨、上腕骨、尺骨、橈骨、手部）、後肢3節（大腿骨、脛骨、足部）の計20節から成る直鎖リンク系として表現し、骨格系の構造制約をその形状情報に基づいて正確に記述した。また、京都大学霊長類研究所にてチンパンジー2個体の飼育環境下での運動を、固定カメラ4台を用いて撮影し、その3次元身体運動を従来手法に基づいて定量化した。その際、無拘束カメラでの運動撮影も行った。これらを基礎データとして、無拘束カメラ画像に骨格モデルをマッチングし、3次元運動を再構築するアルゴリズムの定式化を行い、そのプログラム開発を進めた。今後、ナックルウォーキングや情動行動などの動態を3次元的に定量化することを目指す。

11 チンパンジートリオのゲノム解析研究

藤山秋佐夫（国立遺伝学研究所・国立情報学研究所）、豊田敦（国立遺伝学研究所）、黒木陽子（理化学研究所）

対応者：平井啓久

霊長類研究所で飼育しているチンパンジー父（アキラ）・母（アイ）・子（アユム）トリオから採血した全血の提供を受けた。各検体は、研究計画にしたがい、EBウイルスによるセルラインを確立し、経時的に凍結細胞を保存した。さらに各検体から白血球画分を調製後、ゲノムDNAを抽出精製し、SOLiD3型次世代シーケンサを用いた全ゲノム解読を進めた。これまでに、アユムDNAについては予定通りのゲノム被覆度に到達し、アキラ、アイのゲノム解読を進めているところである。当初予定していたBACライブラリ作成、染色体解析については全ゲノムデータの解析と合わせ、必要に応じて進める予定である。今後は、トリオ全体のデータが揃ったところでデータ解析を進めると共に、メチル化解析に取りかかる予定である。